

# NovaSeq™ X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing System

Productividad extraordinaria, economía transformadora y más sostenibilidad que nunca

- Acceda a una productividad y una precisión excepcionales para llevar a cabo estudios más amplios, proyectos más ambiciosos y métodos con una mayor cantidad de datos
- Reduzca el coste total de propiedad gracias a innovaciones de vanguardia en química e informática, a la simplicidad operativa y a los flujos de trabajo optimizados
- Reduzca al mínimo el impacto ambiental con los reactivos liofilizados, gracias a la reducción significativa del tamaño del envase, el peso, la masa de plástico y residuos.

**illumina**®

Para uso exclusivo en investigación. Prohibido su uso en procedimientos de diagnóstico.



## Introducción

Los visionarios de la genómica están ampliando los límites de las capacidades de la secuenciación de nueva generación (NGS, next-generation sequencing). Para responder a las cuestiones biológicas más complejas se precisa una alta potencia estadística respaldada por estudios a mayor escala, una secuenciación más profunda para identificar eventos genéticos raros y métodos de secuenciación y multiómica más extensos para conseguir una visión más exhaustiva. Los avances tecnológicos integrados en NovaSeq X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing System aportan una ganancia masiva en rendimiento y productividad que permite secuenciar hasta decenas de miles de genomas al año. Esta economía de secuenciación transformadora permitirá a los científicos genómicos realizar proyectos que antes se consideraban inalcanzables (figura 1).

Con NovaSeq X Series, Illumina sigue marcando el estándar de la precisión y la facilidad de uso. Los avances revolucionarios en química, óptica y software se combinan para ofrecer una velocidad, calidad de datos y sostenibilidad excepcionales. Los usuarios pueden obtener una productividad y flexibilidad excepcionales sin renunciar a unos flujos de trabajo flexibles, optimizados y fáciles de usar.

## Innovación para impulsar la genómica a gran escala con una precisión excepcional

NovaSeq X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing System ofrecen la productividad y la precisión necesarias para habilitar más aplicaciones con uso intensivo de datos y aportar información significativa a escala. El rendimiento en NovaSeq X Series reduce el coste por gigabase (Gb) en hasta un 60 %, en comparación con NovaSeq 6000 System.<sup>1</sup> NovaSeq X Plus System es nuestro sistema de secuenciación más potente hasta la fecha, con un rendimiento de hasta 16 terabases (Tb) (o hasta 52 mil millones de lecturas únicas) por experimento en celda de flujo doble. NovaSeq X System cuenta con una configuración de celda de flujo única con un intervalo de rendimiento de 165 Gb a 8 Tb (o hasta 26 mil millones de lecturas únicas) por experimento (figura 2, figura 3, tabla 1).\*

\* Para garantizar la flexibilidad en el futuro, los clientes que adquieran NovaSeq X System pueden actualizarlo completamente a NovaSeq X Plus System para disponer de la capacidad de celda de flujo doble a medida que evolucionen sus necesidades.



Figura 1: NovaSeq X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing system. La innovación de Illumina continúa ampliando el acceso a la genómica de alta productividad que generará conocimientos científicos novedosos.

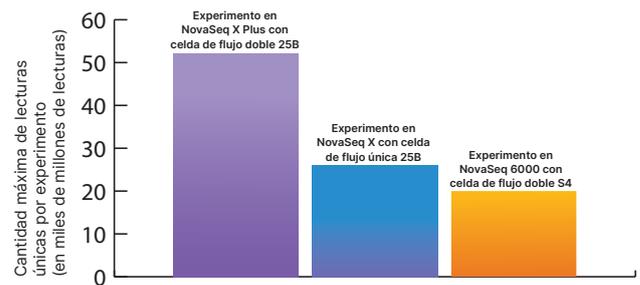


Figura 2: Aumento al máximo el rendimiento de secuenciación con NovaSeq X Plus System. Comparación del rendimiento máximo por experimento único en miles de millones de lecturas para NovaSeq X Plus System (experimento con celda de flujo doble 25B), NovaSeq X System (experimento con una única celda de flujo 25B) y NovaSeq 6000 System (experimento con celda de flujo doble S4).<sup>1</sup>

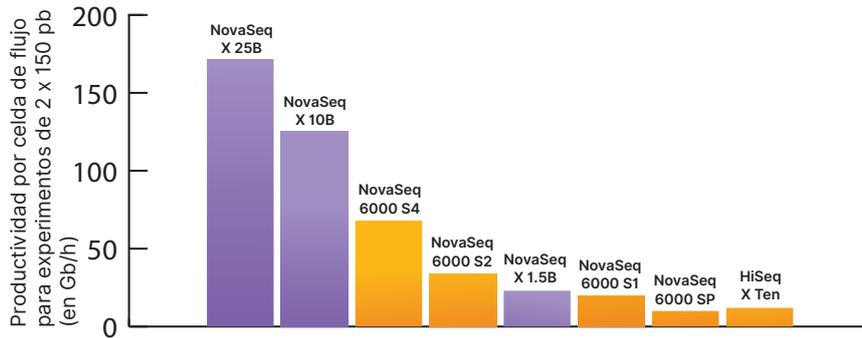


Figura 3: NovaSeq X Series ofrece una productividad de secuenciación máxima. Comparación del rendimiento por celda de flujo única por hora para las celdas de flujo 1.5B, 10B y 25B de NovaSeq X Series, las celdas de flujo SP, S1, S2, S4 de NovaSeq 6000,<sup>1</sup> y HiSeq X Ten.<sup>2</sup> Desde el primer genoma de 1000 USD hasta hoy, Illumina sigue transformando la economía de la secuenciación de alta productividad.

Hay tres tipos de celdas de flujo que respaldan la productividad flexible de más de 128 genomas humanos con una cobertura de 30x, hasta 1500 exomas o más de 1000 transcriptomas por experimento en celda de flujo doble (tabla 2). Diversas innovaciones tecnológicas hacen posible este nuevo nivel de secuenciación.

- Celdas de flujo con patrón de densidad muy alta, con decenas de miles de millones de nanopocillos en ubicaciones fijas para hasta 26 mil millones de lecturas únicas (52 mil millones de lecturas «paired-end») por celda de flujo.
- Apertura numérica alta, cámara personalizada de alta velocidad y óptica azul-verde para la obtención de imágenes de resolución muy alta a fin de aumentar al máximo la productividad y la calidad de los datos.
- Algoritmos avanzados de llamada de bases y análisis secundario de DRAGEN™ integrado (disponible tanto de forma integrada como en la nube) para una precisión y velocidad mundialmente reconocidas.<sup>3,4</sup>

NovaSeq X Series funciona con la química XLEAP-SBS™ de Illumina, nuestra química de secuenciación por síntesis (SBS, sequencing by synthesis) más rápida, de mayor calidad y más potente hasta la fecha. La química XLEAP-SBS, construida a partir de la base comprobada de la química de SBS más ampliamente adoptada y usada, proporciona mejoras significativas en el rendimiento. Los nucleótidos de XLEAP-SBS emplean novedosos colorantes, conectores y bloques que son más resistentes al calor, 50 veces más estables en solución y 500 veces más estables tras la liofilización. La reducción de 50 veces en la hidrólisis y una escisión en bloque 3 veces más rápida mejoran en gran medida la precisión gracias a la reducción de la fase de hebra retrasada y la prefase de hebra retrasada. La nueva polimerasa de XLEAP-SBS está diseñada para incorporar nucleótidos más rápido y con mayor fidelidad que nunca. Todas estas innovaciones juntas permiten tiempos de ciclo hasta 2 veces más rápidos y una precisión hasta 3 veces mayor que la SBS habitual.<sup>5</sup>

## Precisión probada

La química XLEAP-SBS usa nucleótidos terminadores reversibles para una secuenciación base por base verdadera, lo que reduce considerablemente los errores y las llamadas perdidas asociadas a cadenas de nucleótidos repetidos (homopolímeros).<sup>6</sup> Además, la química XLEAP-SBS es compatible con la secuenciación «paired-end», lo que facilita la detección de reordenaciones genómicas, elementos de secuencia repetitiva, fusiones génicas y transcritos novedosos. Las secuencias alineadas como pares de lectura ofrecen una alineación más precisa de la lectura y la capacidad de detectar variantes de inserción/delección (indel), un proceso que resulta más difícil con datos de lectura única.<sup>7</sup>

## Aportación de información significativa a escala

Con una amplitud de aplicaciones inigualable y un rendimiento revolucionario, NovaSeq X Series redefine los límites de la secuenciación de alta productividad para impulsar la investigación genómica. Los tiempos de ejecución más rápidos pueden significar respuestas más rápidas para muestras más importantes. Una mayor productividad permite que se completen los proyectos de manera más eficiente. Los científicos pueden aumentar la potencia estadística a través de un diseño de estudio más amplio y cohortes de muestra más grandes. Los laboratorios pueden estudiar más muestras en diferentes condiciones o momentos para revelar las propiedades dinámicas de las células y los sistemas biológicos. Se puede expandir el alcance de estudios unicelulares, espaciales, proteómicos u otros estudios multiómicos para incluir más células, mayor resolución o múltiples modalidades. Los usuarios pueden aumentar al máximo los números de lecturas e incrementar la profundidad de secuenciación, para obtener la mayor resolución y detectar señales y variantes de baja frecuencia.

Tabla 1: parámetros de rendimiento de NovaSeq X Series<sup>a</sup>

Tipo de celda de flujo	1.5B	10B	25B
<b>Rendimiento por experimento con una única celda de flujo<sup>a</sup></b>			
2 × 50 pb	Aprox. 165 Gb	1 Tb	–
2 × 100 pb	330 Gb	2 Tb	–
2 × 150 pb	500 Gb	3 Tb	8 Tb
<b>Rendimiento por experimento con celda de flujo doble<sup>a,b</sup></b>			
2 × 50 pb	Aprox. 330 Gb	2 Tb	–
2 × 100 pb	660 Gb	4 Tb	–
2 × 150 pb	1 Tb	6 Tb	16 Tb
<b>Lecturas que superan el filtro por celda de flujo<sup>a</sup></b>			
Lecturas únicas	1600 millones	10 000 millones	26 000 millones
Lecturas «paired-end»	3200 millones	20 000 millones	52 000 millones
<b>Duración del experimento en el instrumento<sup>a,c</sup></b>			
2 × 50 pb	Aprox. 17 h	Aprox. 18 h	–
2 × 100 pb	Aprox. 20 h	Aprox. 22 h	–
2 × 150 pb	Aprox. 23 h	Aprox. 25 h	Aprox. 48 h
<b>Puntuaciones de calidad<sup>a,d</sup></b>			
2 × 50 pb	≥90 % de bases superior a Q30		
2 × 100 pb	≥85 % de bases superior a Q30		
2 × 150 pb	≥85 % de bases superior a Q30		

- a. Las especificaciones se basan en la librería del control PhiX de Illumina o en una librería de ADN de TruSeq creada con NA12878 con las densidades de grupos compatibles. El rendimiento puede variar en función del tipo de librería y su calidad, el tamaño del fragmento, la concentración de la carga y otros factores del experimento. Criterios de medición del rendimiento sujetos a cambios.
- b. Los experimentos con celda de flujo doble solo se aplican al Sistema NovaSeq X Plus.
- c. Los tiempos de ejecución incluyen la generación de grupos automatizada integrada, la secuenciación, el lavado posterior al experimento automatizado y la llamada de bases.
- d. Una puntuación de calidad (o puntuación Q) es una predicción de la probabilidad de un error en la llamada de bases. En todo el experimento se promedia un porcentaje de bases igual o superior a Q30.

## Economía transformadora y aumento de la productividad

NovaSeq X Series favorece la mejor ecuación de coste total de propiedad para la secuenciación de alta productividad. Más allá de la reducción significativa en el coste por Gb, NovaSeq X Series incorpora rentabilidad en todo el flujo de trabajo, que incluye simplicidad operativa, análisis de datos integrado, avances en sostenibilidad y soporte de alto nivel (figura 4).

### La mejor experiencia de usuario

Se han optimizado todos los aspectos del flujo de trabajo de NovaSeq X Series para reducir al mínimo el tiempo y el trabajo necesarios para completar los proyectos. NovaSeq X System y NovaSeq X Plus System incorporan un diseño ergonómico bien pensado e innovaciones de usabilidad como:

- Pantalla táctil de resolución 4K extragrande para ver claramente el progreso del experimento de un vistazo o leer criterios de medición de rendimiento de la secuenciación detallados en el instrumento (figura 5).
- Cartuchos de reactivos listos para cargar y usar con «ventanas de descongelación» para verificar visualmente que los reactivos se han descongelado por completo.
- Carriles de celdas de flujo direccionables individualmente con carga automatizada de carril independiente integrado para dividir fácilmente proyectos y muestras en hasta ocho carriles.
- Requisitos de entrada de librería 4 veces menores<sup>†</sup> para permitir una secuenciación muy profunda de muestras valiosas y nuevas aplicaciones para tipos de muestras complicadas.
- Generación de grupos automatizada integrada y lavado posterior al experimento automatizado para optimizar el flujo de trabajo de secuenciación.
- Opciones de planificación de ejecución flexibles para configurar un análisis secundario sin contacto para aplicaciones clave (figura 6).
- Reactivos, cartuchos de tampón y contenedores de residuos ligeros y fáciles de manejar.
- Otros detalles, como el teclado retráctil y las indicaciones luminosas en los cajones de consumibles para una carga guiada.

 Haga una visita virtual en [illumina.com/TourNovaSeqX](https://illumina.com/TourNovaSeqX)

<sup>†</sup> En comparación con el flujo de trabajo integrado de NovaSeq 6000 System.

Tabla 2: productividad de muestras estimada para aplicaciones clave<sup>a</sup>

Tipo de celda de flujo	Por experimento con una única celda de flujo			Por experimento con celda de flujo doble <sup>b</sup>		
	1.5B	10B	25B	1.5B	10B	25B
Genomas humanos	Aprox. 4	Aprox. 24	Aprox. 64	Aprox. 8	Aprox. 48	Aprox. 128
Exomas	Aprox. 41	Aprox. 250	Aprox. 750	Aprox. 82	Aprox. 500	Aprox. 1500
Transcriptomas	Aprox. 30	Aprox. 200	Aprox. 520	Aprox. 60	Aprox. 400	Aprox. 1040

a. Toda la productividad de muestras se basa en estimaciones. En las estimaciones de los genomas humanos se asumen más de 120 Gb de datos por muestra para lograr una cobertura 30x. En las estimaciones de los exomas se asumen aproximadamente 8 Gb por muestra para lograr una cobertura 100x. En las estimaciones de los transcriptomas se asumen 50 millones de lecturas o más. La productividad puede variar en función del kit de preparación de librerías que se utilice. Criterios de medición del rendimiento sujetos a cambios.

b. Los experimentos con celda de flujo doble solo se aplican al Sistema NovaSeq X Plus.

### Informática optimizada y completa

Los chips DRAGEN integrados aceleran el procesamiento y cuentan con algoritmos incorporados de compresión de datos sin pérdidas. DRAGEN ORA (archivo de lectura original, original read archive) puede automatizar la compresión de archivos FASTQ hasta 5 veces para permitir transferencias de datos más rápidas y una gestión de datos más sencilla. Una huella de datos más pequeña también reduce los costes de almacenamiento y consumo de energía.

Gracias a una estructura de procesamiento paralelo, DRAGEN Multigenome (gráfico) usa el aprendizaje automático flexible para aumentar sistemáticamente la precisión.<sup>3,4</sup> Al estar integrada en NovaSeq X Series, la plataforma DRAGEN puede ejecutar múltiples procesos de análisis secundario en paralelo, ya sea integrados o en la nube. Realice hasta cuatro aplicaciones simultáneas por celda de flujo en un

experimento único. Los procesos de análisis secundario automatizados incluyen:

- DRAGEN Germline para la secuenciación del genoma completo.
- DRAGEN Somatic para la secuenciación del genoma completo.
- DRAGEN Enrichment para la secuenciación del exoma completo.
- DRAGEN RNA para la secuenciación del transcriptoma completo.
- DRAGEN Methylation para secuenciación de metilación.

Estas aplicaciones clave son compatibles con flujos de trabajo completos de la librería al análisis (tabla 3).



Figura 4: Flujo de trabajo de secuenciación intuitivo y optimizado de alta productividad. NovaSeq X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing System proporcionan un flujo de trabajo integral que incluye una configuración de experimento fácil de usar, un amplio ecosistema de kits de preparación de librerías compatibles y análisis secundarios integrados, respaldado por la supervisión proactiva del rendimiento del instrumento.



Figura 5: Funcionamiento sencillo. Muchas de las funciones de NovaSeq X System y NovaSeq X Plus System están diseñadas para simplificar el flujo de trabajo de secuenciación, incluida una interfaz de pantalla táctil de alta resolución y cartuchos que contienen reactivos listos para usar para operaciones de carga y uso.

### Innovaciones pioneras en sostenibilidad

NovaSeq X System y NovaSeq X Plus System se han diseñado expresamente para reducir su impacto medioambiental. La potencia y la estabilidad mejoradas de los reactivos de XLEAP-SBS permiten el envío y el almacenamiento en forma liofilizada. Esta innovación clave ofrece beneficios notables en términos de sostenibilidad y experiencia del usuario:

- Los kits de reactivos se envían a temperatura ambiente (sin hielo seco ni bolsas de hielo) para reducir los residuos y reducir el tiempo invertido en el desembalaje
- Capacidad de usar consumibles en un experimento de secuenciación inmediatamente después de recibirlos (o después de descongelarlos, si se almacenaron previamente), lo que reduce al mínimo el tiempo de participación activa para una operación optimizada
- Reducción de más del 50 % en el volumen del cartucho<sup>‡</sup> para optimizar el espacio del congelador y el almacenamiento
- Reducción de aproximadamente un 90 % del peso por kit<sup>‡</sup> para facilitar la manipulación (solo 4,5 kg (10 lb) en total, envío en una caja)
- Eliminación sencilla de consumibles con componentes reciclables, que se desmontan sin herramientas especiales, y reducción de aproximadamente un 90 % de los residuos de embalaje<sup>‡</sup>
- Reducción de la masa de plástico en más de un 50 %<sup>‡</sup> mediante el uso de plásticos reciclables y cartuchos de tampón hechos con biopolímero de origen vegetal (96 % de caña de azúcar)

<sup>‡</sup> En comparación con los kits de reactivos de NovaSeq 6000.

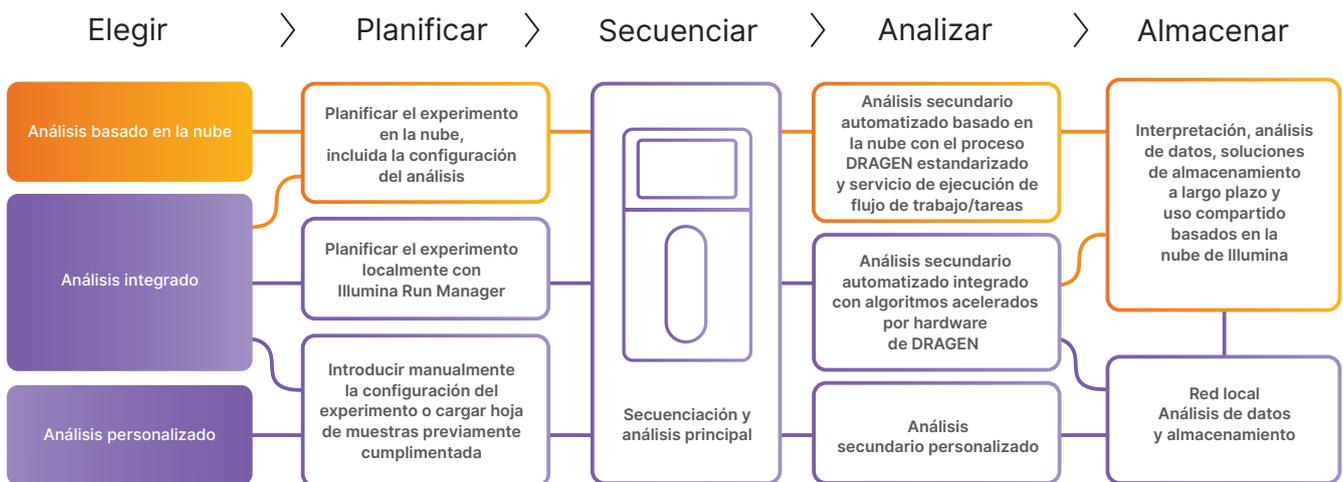


Figura 6: Versátil conjunto de programas informáticos. NovaSeq X System y NovaSeq X Plus System ofrecen opciones locales (morado) y basadas en la nube (naranja) para configurar y gestionar experimentos y para el análisis de datos, lo que permite a los usuarios procesar su secuenciación como deseen.

Tabla 3: Ejemplos de flujos de trabajo de la librería al análisis para aplicaciones de secuenciación de alta intensidad en NovaSeq X Series

Aplicación	Preparación de librerías	Secuenciación	Análisis de datos
Secuenciación del genoma completo	<a href="#">Illumina DNA PCR-Free Prep</a>	Celda de flujo 1.5B, 10B o 25B de NovaSeq X, kit de 300 ciclos	DRAGEN Germline DRAGEN Somatic
Secuenciación del exoma completo	<a href="#">Illumina DNA Prep with Exome 2.5 Enrichment</a>	Celda de flujo 1.5B o 10B de NovaSeq X, kit de 200 ciclos	DRAGEN Enrichment
Secuenciación del transcriptoma	<a href="#">Illumina Stranded Total RNA Prep</a> <a href="#">Illumina Stranded mRNA Prep</a> <a href="#">Illumina RNA Prep with Enrichment</a>	Celda de flujo 1.5B o 10B de NovaSeq X, kit de 200 ciclos	DRAGEN RNA

## Tecnología de confianza, socio de confianza

Como proveedor de plataforma de NGS preferido, Illumina ha enviado más de 20 000 sistemas de secuenciación a laboratorios de todo el mundo. La tecnología de NGS de Illumina se cita en más de 300 000 publicaciones con revisión externa por especialistas; esto es 5 veces más que el resto de tecnologías de NGS en conjunto.<sup>8</sup> Sobre la base de décadas de experiencia, Illumina mantiene un compromiso incesante con la innovación y la creación de capacidades y aplicaciones futuras de NGS (figura 3). NovaSeq X Series demuestra nuestro liderazgo continuo en tecnologías genómicas.

### Comprometidos con el éxito del cliente

Para tener confianza en su inversión, lograr el mejor rendimiento y reducir al mínimo las interrupciones, Illumina proporciona un equipo de asistencia técnica de alto nivel compuesto por científicos expertos en la preparación, la secuenciación y el análisis de librerías. El servicio de asistencia técnica está disponible por teléfono los cinco días laborables de la semana o puede acceder al servicio de asistencia en línea de manera ininterrumpida, en todo el mundo y en diversos idiomas, con un tiempo de respuesta rápido cerca de la mayoría de las principales áreas metropolitanas. Illumina brinda una excelente estabilidad, suministro y calidad de los productos gracias a una infraestructura de fabricación global consolidada.

## Resumen

NovaSeq X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing System aportan una extraordinaria potencia de secuenciación para impulsar aplicaciones de uso intensivo de datos, como la secuenciación del genoma completo, la secuenciación unicelular y la multiómica. Diversas innovaciones técnicas, como la química XLEAP-SBS y el análisis DRAGEN integrado, ofrecen la máxima productividad y precisión para los científicos de genómica. NovaSeq X System y NovaSeq X Plus System posibilitan una economía transformadora que impulsará una nueva era de conocimiento genómico destinada a mejorar la salud humana.

## Información adicional

NovaSeq X Sequencing System y NovaSeq X Plus Sequencing System, [illumina.com/NovaSeqX](https://illumina.com/NovaSeqX)

Análisis secundario de DRAGEN, [illumina.com/DRAGEN](https://illumina.com/DRAGEN)

Especificaciones del instrumento NovaSeq X Series

Parámetro	Especificación
Configuración del instrumento	Ordenador y pantalla táctil 4K Configuración de la instalación y accesorios Software de análisis y recopilación de datos
Ordenador de control del instrumento	Unidad base: placa iEi personalizada con CPU AMD V1605b Memoria: 2 × 16 GB DDR4 SODIMM Disco duro: ninguno Unidad de estado sólido: 480 GB M.2 Sistema operativo: Oracle 8
Motor de procesamiento de instrumento	Unidad base: placa iEi personalizada con CPU AMD 7552 Memoria: 8 × 64 GB + 8 × 128 GB DDR4 RDIMM Disco duro: ninguno Unidad de estado sólido: 480 GB M.2 + 5 × 12,8 TB U.2 Sistema operativo: Oracle 8
Entorno operativo	Temperatura: de 15 °C a 30 °C, cambio de menos de 2 °C por hora Humedad: humedad relativa entre el 20 % y el 65 %, sin condensación Altitud: por debajo de 2000 metros (6500 pies) Ventilación: salida máxima de calor por instrumento de 9200 BTU/h y promedio de salida de calor de 7507 BTU/h Para uso exclusivo en interiores
Láser	Producto láser de clase 1 532 nm (potencia máxima de 4,5 W), 457 nm (potencia máxima de 6 W)
RFID	Frecuencia operativa 13,56 MHz, potencia de salida de 200 mW
Dimensiones	Anchura × profundidad × altura: 86,4 cm × 93,3 cm × 158,8 cm Peso en seco (SAI no incluido): 531 kg (1171 lb) Peso en seco (SAI incluido): 568 kg (1253 lb) Peso con el envase: 722 kg (1591 lb) Peso de la plataforma de accesorios: 238 kg (525 lb)
Requisitos de alimentación	200-240 V de CA a 50/60 Hz, 15 A, monofase Illumina incorpora un sistema de alimentación ininterrumpida (SAI) específico de cada zona Los requisitos mínimos de amperaje pueden depender de la tensión de cada región
Conexión de red	Conexión 10 GBE dedicada ((10GBASE-T) con uso de RJ-45 del instrumento) entre el instrumento y el sistema de gestión de datos; se conecta directamente o a través de la red
Ancho de banda para la conexión de red	<i>Para datos de análisis primario:</i> 800 Mbit/s/instrumento para cargas de red local 800 Mbit/s/instrumento para cargas de BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mbit/s/instrumento para cargas de datos operativos del instrumento <i>Para datos de análisis primario y secundario:</i> 3,2 Gbit/s/instrumento para cargas de red local 3,2 Gbit/s/instrumento para cargas de BaseSpace Sequence Hub/Illumina Connected Analytics 15 Mbit/s/instrumento para cargas de datos operativos del instrumento

## Datos para realizar pedidos

Sistema	N.º de catálogo
NovaSeq X Sequencing System	20084803
NovaSeq X Plus Sequencing System	20084804
Kits de reactivos de secuenciación	N.º de catálogo
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (100 cycles)	20104703
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (200 cycles)	20104704
NovaSeq X Series 1.5B Reagent Kit (300 cycles)	20104705
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (100 cycles)	20085596
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (200 cycles)	20085595
NovaSeq X Series 10B Reagent Kit (300 cycles)	20085594
NovaSeq X Series 25B Reagent Kit (300 cycles)	20104706

## Bibliografía

1. Illumina. NovaSeq 6000 System specification sheet. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271/novaseq-6000-spec-sheet-m-gl-00271.pdf). Año de publicación: 2017. Año de actualización: 2022. Fecha de consulta: 1 de junio de 2022.
2. Illumina. HiSeq X Ten Series of Sequencing Systems specification sheet. [illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf). Año de publicación: 2014. Año de actualización: 2016. Fecha de consulta: 13 de junio de 2022.
3. Mehio R, Ruehle M, Catreux S, et al. DRAGEN Wins at PrecisionFDA Truth Challenge V2 Showcase Accuracy Gains from Alt-aware Mapping and Graph Reference Genomes. [illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html](https://www.illumina.com/science/genomics-research/articles/dragen-wins-precisionfda-challenge-accuracy-gains.html). Fecha de consulta: 1 de junio de 2022.
4. Illumina. DRAGEN Bio-IT Platform data sheet. [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680/dragen-bio-it-data-sheet-m-gl-00680.pdf). Año de publicación: 2018. Año de actualización: 2022. Fecha de consulta: 1 de junio de 2022.
5. Illumina. [Presentation at JP Morgan Healthcare Conference; January 2022; San Diego, CA.](#)
6. Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, et al. [Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry.](#) *Nature*. 2008;456(7218):53-59. doi:10.1038/nature07517
7. Nakazato T, Ohta T, Bono H. [Experimental design-based functional mining and characterization of high-throughput sequencing data in the sequence read archive.](#) *PLoS One*. 2013;8(10):e77910. doi:10.1371/journal.pone.0077910
8. Data calculations on file, Illumina, Inc. 2022.



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566  
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
 M-US-00197 ESP v4.0